

<https://helda.helsinki.fi>

Geenitieto muuttaa syöpäkirurgiaa, mutta ei ihan vielä

Juteau, Susanna

2019

Juteau , S , Koljonen , V & Kytölä , S 2019 , ' Geenitieto muuttaa syöpäkirurgiaa, mutta ei
ihan vielä ' , Duodecim , Vuosikerta. 135 , Nro 23 , Sivut 2356 . <
<https://www.duodecimlehti.fi/lehti/2019/23/duo15264> >

<http://hdl.handle.net/10138/323920>

publishedVersion

Downloaded from Helda, University of Helsinki institutional repository.

This is an electronic reprint of the original article.

This reprint may differ from the original in pagination and typographic detail.

Please cite the original version.

Geenitieto muuttaa syöpäkirurgiaa, mutta ei ihan vielä

Katsauksessaan Geenitieto muuttaa syöpäkirurgiaa Seppälä ja Meretoja summasivat ansiokkaasti nykyisen tutkimustiedon kirurgian ja geenitiedon yhteydestä (1). Yksilöllistetty geenitietoon perustuva kirurgia (personalized genomic surgery) on selvästi pisimmällä osassa vatsan alueen syöpien sekä naisten rint- ja lisääntymiselinten syöpien hoidoista (1,2). Mutta muuttaako geenitieto kirurgiaa vai ohjaako se kirurgiaa ja kirurgisia ratkaisuja? Syöpäkirurgian pääperiaatteet ovat karrikoiden viilto, poisto, huolellinen hemostaasi ja sulkku, eivätkä ne ehkä koskaan muutu, vaikka geenitieto jo muuttaakin osaa kirurgisesta päätöksenteosta.

Ihomelanooman osalta kat-saus antoi asiaan tarkemmin perehtymättömälle lukijalle turhan ideaalisen kuvan geenitiedon nykyisestä hyödyntämisestä. Melanooma pystytään tunnistamaan lähes 90 %:n tarkkuudella perusvärjäysten avulla, eikä molekyyli-patologiaa tällöin tarvita diagnostiikkaan. Katsauksessa esitetty BRAF-mutaatio (V600E) on jatkohoidon kannalta oleellinen tieto onkologille. Se voidaan tunnistaa luotettavasti immuno-histokemiallisesti, mutta sen harvinainen K-mutaatio voidaan parhaiten määrittää rinnakkais-sequencing, NGS) -geenipaneelin avulla.

Rinnakkaissequencingeeni-paneeli on HUS:n organisaation-sisäinen syöpägeenipaneeli, joka sisältää kahdeksan yleisintä, hoidollisesti merkittävää kolo-rektaali- ja keuhkosityöpien, me-

lanooman ja ruuansulatuskana-van stroomakasvaimen (GIST) geenii. Paneeli on rutiinikäytös-sä melanoomapotilaan hoidon suunnittelussa. Sen käyttö antaa samanaikaisesti tiedon myös melanooman KIT- ja NRAS-mutaatioista.

Metastaattinen vartijasolmuke ei nykysuositusten mukaan enää aiheuta automaattisesti imusol-mukealueen tyhjennysleikkausta. Seuranta on havaittu yhtä hyväk-si melanoomaspesifisen elossa-oloajan kannalta kuin imusolmu-kealueen tyhjennysleikkaus (3). Jos potilaalla ei todeta BRAF-mutaatiota eli lääkkeellinen täs-mähoito ei ole mahdollinen melanooman uusiutuessa, puoltaa BRAF-mutaation puute vahvasti tyhjennysleikkausta (4). Tällöin-kin kliininen tilanne ja onko-login arvioima mahdollisuus immuno-onkologisiin hoitoihin vaikuttavat imusolmukealueen tyhjennysleikkauspäätökseen.

Vaikeasti tulkittavat iho-muutokset, kuten katsauksessa mainitut Spitzin luomi, sen va-riantit atyyppinen Spitzin luo-mi ja spitzoidi melanooma sekä MELTUMP (melanocytic lesion of unknown malignant poten-tial) tunnistetaan ja erotetaan toisistaan luotettavasti histologi-sesti ja immunohistokemiallisen värjäysprofiilin avulla. FISH-te-kniikkaa ja vertailevaa genomista hybridisaatiota (VGH) on jo pitkään käytetty erityistapauk-sissa, lähinnä hankalasti tulkit-tavien spitzoidien kasvainten ja MELTUMP:ien diagnosoinnis-sa, mutta valtavirtaa diagnosti-kan tueksi niistä ei vielä ole tullut eikä niitä siis toistaiseksi

käytetä melanooman rutiinidiag-nostiikassa. Suurimmat esteet niiden rutiinikäytölle ovat vä-häinen kertynyt tutkimustieto ja kallis hinta (5). ■

SUSANNA JUTEAU, dosentti, ihotautien ja patologian erikoislääkäri
HUS, diagnostiikkakeskus, Meilahden patologian laboratoriot

VIRVE KOLJONEN, dosentti, erikoislääkäri
HUS, Töölön sairaala, plastiikkakirurgian klinikka

SOILI KYTÖLÄ, dosentti, sairaalageneetikko
HUSLAB, genetiikan laboratorio

KIRJALLISUUTTA

1. Seppälä T, Meretoja T. Geenitieto muuttaa syöpäkirurgiaa. *Duodecim* 2019;135: 1830–7.
2. Brunicardi FC, Gibbs RA, Wheeler DA, ym. Overview of the development of personalized genomic medicine and surgery. *World J Surg* 2011;35:1693–9.
3. Faries MB, Thompson JF, Cochran AJ, ym. Completion dissection or observation for sentinel-node metastasis in melanoma. *N Engl J Med* 2017;376:2211–22.
4. Chapman PB, Hauschild A, Robert C, ym. Improved survival with vemurafenib in melanoma with BRAF V600E mutation. *N Engl J Med* 2011;364:2507–16.
5. Ferguson PM, Long GV, Scolyer RA, ym. Impact of genomics on the surgical management of melanoma. *Br J Surg* 2018; 105:e31–47.